

# Asociación de polimorfismos de los genes *FABP4* y *FABP5* con caracteres productivos y de calidad en un cruce Duroc x Ibérico

Gloria Muñoz<sup>1\*</sup>, Eladio Alcazar<sup>2</sup>, Almudena Fernandez<sup>1</sup>, Carmen Barragán<sup>1</sup>, Atanasio Carrasco<sup>3</sup>, Emiliano de Pedro<sup>4</sup>, Luis Silió<sup>1</sup>, José Luis Sánchez<sup>2</sup> & Carmen Rodríguez<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Mejora Genética Animal, INIA, Ctra. Coruña Km 7, 28040, Madrid.

<sup>2</sup>SAT Vallehermoso, 13248, Ciudad Real.

<sup>3</sup>Ingeniería, CSIC, José Antonio Nováis, 10, 28040, Madrid.

<sup>4</sup>Producción Animal, ETSIAM, Campus de Rabanales CN IV km 396, 14014, Córdoba.

**Resumen:** Los polimorfismos *FABP4* Del2634C y *FABP5* g.3000T>G han sido asociados con caracteres de engrasamiento y conformación en un cruce Ibérico x Landrace. En el presente trabajo se han analizado estos polimorfismos de manera independiente y por haplotipos para comprobar su posible asociación con caracteres productivos y de calidad de carne y grasa en una población comercial de 527 animales Duroc x Ibérico. Los análisis para *FABP4* mostraron resultados significativos para engrasamiento y porcentaje de algunos ácidos grasos. Los análisis para *FABP5* no revelaron resultados significativos, sin embargo, los análisis por haplotipos de ambos polimorfismos revelaron resultados significativos para un mayor número de caracteres productivos y de calidad de grasa. Los efectos más relevantes afectan al rendimiento en piezas nobles y los más significativos al contenido en grasa subcutánea de los ácidos mirístico, palmítico y linoléico.

**Palabras clave:** *FABP4*, *FABP5*, engrasamiento, caracteres de calidad, ácidos grasos.

## 1 Introducción

Los genes de la familia de los *FABPs* son pieza clave en el metabolismo y el transporte intracelular de los ácidos grasos. Su función principal la realizan mediante la captación de los ácidos grasos de cadena larga para transportarlos a sus lugares metabólicos correspondientes [1]. El gen *E-FABP* (*FABP5*) que se expresa preferentemente en tejido adiposo [2], forma un cluster con el gen *A-FABP* (*FABP4*) que está localizado en el intervalo de confianza del QTL *FAT1* detectado en el cromosoma 4 porcino e investigado intensamente por diversos grupos [3]. El hecho de

---

\* Autor corresponsal: [munoz.gloria@inia.es](mailto:munoz.gloria@inia.es)

que el *FABP5* esté envuelto en la movilización de la grasa y que el QTL *FAT1* afecte a caracteres de engrasamiento y crecimiento, lo convierte en un claro candidato fisiológico y posicional. El SNP *FABP5* g.3000T>G ha sido analizado en un cruce experimental Ibérico x Landrace en el que se ha detectado asociación significativa de este polimorfismo con caracteres de engrasamiento y de conformación, siendo el alelo G el responsable de incrementar la grasa dorsal en esta población [4]. En este mismo trabajo, también se realizó un análisis por haplotipos de los polimorfismos *FABP4* Del2634C y *FABP5* g.3000T>G obteniendo resultados aún mas significativos. En un trabajo previo, nuestro grupo detectó efectos significativos del polimorfismo *FABP4* Del2634C sobre engrasamiento y calidad de grasa en el cruce Duroc x Ibérico objeto del presente estudio [5].

Dado estos antecedentes, los objetivos de este estudio sobre el citado cruce comercial son, a) realizar un análisis de asociación del polimorfismo *FABP5* g.3000T>G con caracteres productivos y de calidad de carne y grasa, y b) llevar a cabo un análisis por haplotipos de ambos polimorfismos de los genes *FABP4* y *FABP5*.

## 2 Métodos

Los animales utilizados fueron 527 individuos descendientes del cruce de machos Duroc de dos líneas diferentes (tres verracos de una y seis de otra) con 91 cerdas Ibéricas. Los animales fueron sacrificados en siete lotes distintos. Se obtuvieron registros de crecimiento y composición de la canal en granja y matadero. Los parámetros de calidad de carne y de grasa fueron determinados en muestras de lomo y de grasa dorsal.

El genotipado de los polimorfismos *FABP4* Del2634C y *FABP5* g.3000T>G se realizó siguiendo protocolos de pirosecuenciación previamente descritos [6, 4]. Se realizó un análisis de asociación del polimorfismo del gen *FABP5* y un análisis por haplotipos de los dos polimorfismos de los genes *FABP4* y *FABP5* con diversos caracteres productivos y de calidad. Se empleó un modelo animal en el que se consideraron como efectos fijos la línea Duroc, el sexo, el lote de sacrificio, los genotipos correspondientes (SNPs o haplotipos), y la edad del animal o el peso de la canal, en función del carácter analizado.

## 3 Resultados y Conclusiones

Los genotipos del SNP *FABP5* g.3000T>G obtenidos en el presente trabajo, junto con los del polimorfismo *FABP4* Del2634C obtenidos en un trabajo previo [5], fueron utilizados para realizar diferentes análisis de asociación. En la población analizada, las frecuencias alélicas del polimorfismo *FABP4* Del2634C fueron 0.603 (Del) y 0.397 (C), y del SNP *FABP5* g.3000T>G fueron 0.364 (T) y 0.636 (G). A partir de los polimorfismos de ambos genes, en 456 animales fue posible determinar cuatro haplotipos con frecuencias 0.278, 0.339, 0.378 y 0.004, respectivamente. La

distribución de las ocho clases genotípicas observadas se presenta en la Tabla 1. El haplotipo 4 fue eliminado de los análisis de asociación dada su baja frecuencia.

*Haplotipos	N	Frecuencias	*Haplotipos	N	Frecuencias
1-1	13	0.028	2-3	144	0.316
1-2	62	0.136	2-4	1	0.002
1-3	166	0.364	3-3	16	0.035
2-2	51	0.112	3-4	3	0.007

**Tabla 1.** Combinación de haplotipos que forman los polimorfismos *FABP4* Del2634C y *FABP5* g.3000T>G y frecuencias en la población analizada. \*La combinación de los polimorfismos *FABP4* y *FABP5* generó los haplotipos 1 (Del/G), 2 (Del/T), 3 (CG) y 4 (CT).

Los resultados del análisis del *FABP4* revelaron asociación significativa entre este polimorfismo y el espesor de tocino dorsal (ETD) a los 130 kg de peso, y el porcentaje de algunos ácidos grasos (C14:0, C18:2 y C20:0), siendo el alelo C responsable de la disminución del ETD y del porcentaje de C14:0, y del aumento del porcentaje de C18:2 y C20:0 (Tabla 2). Otros autores detectaron efectos contrarios siendo el alelo C responsable del aumento del engrasamiento en un cruce Ibérico x Landrace [6]. Los análisis de asociación del *FABP5*, no revelaron efectos significativos sobre ningún carácter. Los análisis por haplotipos (*FABP4-FABP5*) mostraron efectos significativos sobre varios de los caracteres analizados (Tabla 2). El haplotipo 1 (Del/G) disminuye el rendimiento en jamones y piezas nobles, el porcentaje de C18:2 y de los índices relacionados con este ácido graso, y aumenta la resistencia al corte y el porcentaje de C14:0 y C16:0. El haplotipo 2 (Del/T) disminuye el porcentaje de C18:2, y aumenta la resistencia al corte y el porcentaje de C14:0. Otros autores detectaron asociación significativa entre el SNP *FABP5* y espesor de grasa dorsal, longitud de la canal y peso de los jamones, siendo el alelo G responsable del aumento del engrasamiento en un cruce Ibérico x Landrace [4]. Estos mismos autores muestran como un modelo de asociación por haplotipos (*FABP4-FABP5*) se adecúa mejor a los datos que el análisis de asociación con el *FABP5* SNP [4].

Los resultados anteriores confirman a los genes *FABP4* y *FABP5* como fuertes candidatos fisiológicos que contribuyen a la variación del contenido en ácidos grasos de la grasa subcutánea. Asimismo, se observa un efecto positivo del haplotipo 1 sobre el espesor de tocino dorsal, que aunque no alcanza la significación estadística ( $P = 0.094$ ), es del mismo signo que el observado sobre los importantes ácidos grasos saturados mirístico y palmítico. Por otra parte, aunque el efecto negativo sobre el rendimiento en jamones y piezas nobles pudiera atribuirse al efecto sobre engrasamiento, no puede excluirse como más probable que estos efectos estén causados por otra mutación o mutaciones localizadas en un gen distinto y en desequilibrio de ligamiento con los haplotipos analizados. Otros autores sugieren la presencia de al menos dos loci subyacentes al QTL *FATI*, uno en la región *FABP4-FABP5* afectando al engrasamiento, y otro a caracteres de crecimiento y rendimiento de piezas nobles [6, 7].

Carácter	Media	<i>FABP4</i>	Haplotipos <i>FABP4-FABP5</i>	
		C vs Del	Del/G vs CG	Del/T vs CG
		<i>a</i> (SE)	<i>a</i> (SE)	<i>a</i> (SE)
Jamones, %	21.44	0.21 (0.11)	-0.47 (0.15) **	-0.19 (0.12)
P.nobles, %	39.97	0.26 (0.20)	-0.67 (0.28) *	-0.24 (0.23)
<sup>1</sup> ETD, mm	25.32	-1.15 (0.52) *	1.23 (0.73)	1.08 (0.60)
Resist.corte	4.23	-0.33 (0.19)	0.48 (0.22) *	0.42 (0.20) *
Ácidos grasos				
C14:0, %	1.34	-0.030 (0.010) **	0.049 (0.014) ***	0.026 (0.011) *
C16:0, %	24.42	-0.159 (0.087)	0.395 (0.114) **	0.173 (0.095)
C18:2, %	8.19	0.139 (0.074) *	-0.285 (0.102) **	-0.177 (0.084) *
C20:0, %	0.20	0.007 (0.003) *	-0.006 (0.005)	-0.006 (0.004)
PUFA	8.65	0.155 (0.079)	-0.280 (0.112) *	-0.163 (0.091)
ACL	17.42	0.005 (0.003)	-0.011 (0.004) **	-0.006 (0.003)
DBI	0.71	0.003 (0.002)	-0.006 (0.003) *	-0.003 (0.002)
PI	10.43	0.162 (0.082)	-0.290 (0.118) *	-0.172 (0.095)
PUFA/SFA	0.23	0.005 (0.003)	-0.009 (0.004) *	-0.005 (0.003)

**Tabla 2.** Asociación del polimorfismo *FABP4* Del2634C (Del→C) y de los haplotipos *FABP4-FABP5* sobre caracteres que presentan algún efecto significativo. <sup>1</sup>ETD a 130 kg; ACL: longitud media de cadena, DBI: índice doble enlace, PI: índice de peroxidabilidad; \**P*<0.05, \*\**P*<0.01, \*\*\**P*<0.001.

## Agradecimientos

Trabajo financiado por el proyecto FIT-2006-060000.

## Referencias

1. Chmurzyńska, A.: The multigene family of fatty acid-binding proteins (FABPs): function, structure and polymorphism. J. Appl. Genet. 47(1), 39-48 (2006). Review.
2. Chen C.H., Lin E.C., Cheng W.T., Sun H.S., Mersmann H.J., Ding S.T.: Abundantly expressed genes in pig adipose tissue: an expressed sequence tag approach. J. Anim. Sci. 84(10), 2673-83 (2006)
3. Andersson L., Haley C.S., Ellegren H., Knott S.A., Johansson M., Andersson K., Andersson-Eklund L., Edfors-Lilja I., Fredholm M., Hansson I., et al.: Genetic mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. Science. 263(5154), 1771-4 (1994).
4. Estellé J., Pérez-Enciso M., Mercadé A., Varona L., Alves E., Sánchez A., Folch J.M.: Characterization of the porcine FABP5 gene and its association with the FAT1 QTL in an Iberian by Landrace cross. Anim. Genet. 37(6), 589-91 (2006).
5. Muñoz G., Alcazar E., Fernández A., Barragan C., Carrasco A., de Pedro E., Silió L., Sánchez J.L., Rodríguez M.C.: Análisis del efecto del polimorfismo Del2634C del gen *FABP4* sobre caracteres de calidad de carne y de grasa, en un cruce comercial Duroc x Ibérico. PS100. Genética y biotecnología animal. XXXVII Congreso de la Sociedad Española de Genética (SEG). Málaga (2009).

6. Mercadé A., Pérez-Enciso M., Varona L., Alves E., Noguera J.L., Sánchez A., Folch J.M.: Adipocyte fatty-acid binding protein is closely associated to the porcine *FAT1* locus on chromosome 4. *J. Anim. Sci.* 84, 2907-13 (2006).
7. Mercadé A., Estellé J., Noguera J.L., Folch J.M., Varona L., Silió L., Sánchez A., Pérez-Enciso M.: On growth, fatness, and form: a further look at porcine chromosome 4 in an Iberian x Landrace cross. *Mamm. Genome.* 16, 374-82 (2005).